

BEST AVAILABLE COPY

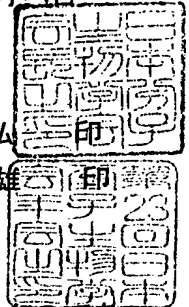
証 明 書

平成13年3月2日

特許庁長官 殿

日本分子生物学会 会長
第23回日本分子生物学会年会 年会長

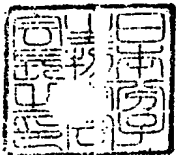
柳田 充弘
杉野 明雄



添付の文章は、第23回日本分子生物学会年会において、下記の通り発表されたものであることを証明いたします。

記

講演日 : 平成12年12月16日
講演場所 : 神戸国際展示場 PA会場
演題番号 : 4PA-069
演題 : 「構造ゲノム科学のためのタンパク質ドメイン選択法」
発表者名 : 関英子、木川隆則、松田夏子、林崎良英、横山茂之



以上



第23回 日本分子生物学会年会

プログラム・講演要旨集

会 期：2000年12月13日(水)～16日(土)

会 場：神戸国際展示場，神戸国際会議場
および 神戸ポートピアホテル

| | |
|--------------------------------|------|
| 第23回年会の開催にあたって | i |
| 年会参加者へのお知らせ | ii |
| 日 程 表 | iv |
| 交通のご案内 | vi |
| 会場周辺案内図 | vii |
| 会場案内図 | viii |
| ポスター発表日程表 | xi |
| ポスターセッションパネル配置図 | xii |
| シンポジウム日程 | xiv |
| ワークショップ日程 | xv |
| 年会組織委員会委員名簿 | xvi |
| 年会プログラム | 1 |
| 岡崎令治メモリアルレクチャー プログラム・要旨 | 1 |
| サテライトシンポジウム「DNA組換え」プログラム | 223 |
| シンポジウム要旨 | 227 |
| ワークショップ要旨 | 257 |
| ポスター発表要旨 | 313 |
| バイオテクノロジーセミナー要旨 | 819 |
| 人名索引 | 843 |
| 賛助会員・賛助社芳名 | 871 |
| 機器・試薬・書籍等展示会出品会社一覧 | 873 |
| 広告掲載会社一覧 | 874 |
| 広 告 | 875 |

編集・発行 平成12年11月25日

第23回 日本分子生物学会年会組織委員会

(連絡先) (財)学会センター関西 内
〒560-0082 豊中市新千里東町1-4-2
千里ライフサイエンスセンタービル14階
TEL (06)6873-2301 FAX (06)6873-2300

IPA-065 メダカ *b* 遺伝子のポジショナルクローニング

○深町 昌司¹, 島田 敦子², 嶋 昭紘¹ (¹ 東大・新領域・先端生命, ² 東大・院理・生物科学)

IPA-066 ブタ BAC クローンの末端配列を利用したマーカーの RH マップ

○木内 幸子, 上西 博英, 美川 智, 安江 博 (農水省・畜試)

IPA-067 無細胞タンパク質合成系を用いたマウス cDNA の多検体同時発現

○元田 容子¹, 矢吹 孝¹, 松田 夏子¹, 林崎 良英², 木川 隆則^{1,3}, 横山 茂之^{1,3,4} (¹ 理研・GSC・タンパク質 G, ² GSC・遺伝子 G, ³ 細胞情報伝達, ⁴ 東大・院理)

IPA-068 PCR と無細胞タンパク質合成系を用いた、迅速なタンパク質ドメインの発現法

○矢吹 孝¹, 元田 容子¹, 松田 夏子¹, 黒田 裕¹, 松尾 洋², 林崎 良英³, 木川 隆則¹, 横山 茂之¹ (¹ 理研・GSC・タンパク質 G, ² ゲノム情報 G, ³ 遺伝子 G)

IPA-069 構造ゲノム科学のためのタンパク質ドメイン選択法

○関 英子¹, 木川 隆則^{1,2}, 松田 夏子¹, 林崎 良英³, 横山 茂之^{1,2,4} (¹ 理研・GSC・タンパク質 G, ² 細胞情報伝達, ³ GSC・遺伝子 G, ⁴ 東大・院理)

IPA-070 無細胞系による高度好熱菌 *T. th* HB8 タンパク質の発現

○田島 夏織¹, 白水 美香子^{1,2,4}, 井上 みお¹, 矢吹 孝¹, 木川 隆則^{1,2}, 柴田 武彦^{3,4}, 井上 頼直⁴, 倉光 成紀^{4,5}, 横山 茂之^{1,2,4} (¹ 理研・GSC・タンパク質 G, ² 理研・細胞情報伝達, ³ 理研・遺伝生化学, ⁴ 理研・ストラクチャー・グループ G, ⁵ 阪大・院理)

IPA-071 ゲノムワイドな多型マイクロサテライトマーカーの設定

○松野 悟士¹, 岡本 浩一^{1,2}, 林 英樹¹, 徳保 江里子¹, 渡辺 裕美^{1,2}, 遠藤 高帆³, 今西 規³, 五條 堀 孝³, 田宮 元¹, 菅原 英俊¹ (¹ 東海大・医・分子生命科学 2, ² 中外製薬・富士御殿場研, ³ 遺伝研・生命情報)

IPA-072 ヒト DLSIT 遺伝子の多型について

○田島 真理子¹, 中野 恭子¹, 中河 志朗², 太田 成男³, 松田 貞幸⁴ (¹ 鹿児島女子短大・生化, ² 鹿児島大・医・解剖学, ³ 日本医科大・老研・生化, ⁴ 鹿屋体育大・生物)

IPA-073 ヒトゲノム解析計画はいかなる終末を迎えるか?

○田島 真理子 (理研・筑波研究所・ジーンバンク)

(6a 高次生命現象, 免疫)

IPA-074 CD97 と自然免疫と適応免疫のクロストーク

○灰野 誠¹, 松島 網治¹, Kathleen Kelly² (¹ 東大・院医・分子予防医学/科技団 CREST, ² NCI, NIH, USA)

IPA-075 制御性 T 細胞遺伝子 *me18* による末梢 T 細胞の機能発現と機能分化の制御

○小田 正幸¹, 谷岡 克¹, 古関 明彦¹, 中山 俊憲 (千葉大院・医・免疫発生)

IPA-076 新しい T 細胞調節因子による T 細胞分化制御機構

○田中 裕也 (千葉大・医・分子免疫)

IPA-077 WASP/PAW/WHIT トレインを過剰発現するトランスジェニックマウスにおける T 細胞の機能解析

○佐藤 昭一¹, 後藤 英夫¹, 山下 慶三², 橋本 幸一², 多度津 紀子², 橋本 易周³, 関川 賢二¹ (¹ 農水省・畜試・免疫学, ² クソウエルカム KK 筑波研, ³ 北大・先端研)

IPA-078 CD39 の T 細胞分化における役割

○中山 俊憲 (千葉大学院・医・免疫発生)

IPA-079 ヘルパー T 細胞サブセット特異的サイトカイン遺伝子群の発現制御機構

○宮崎 昌子¹, 橋本 直久¹, 鴨川 由美子¹, 新井 直子², 新井 賢一¹ (¹ 東大・医科研・染色体制御, ² DNAX 研究所・免疫学)

IPA-080 Human Herpesvirus 6 レセプターと CD46 の解析

○河村 昌子¹, 谷岡 光恵², 松本 美佐子², 伊勢川 裕二³, 瀬谷 司^{1,2} (¹ 奈良先端大・バイオ, ² 大阪府成人病センター・免疫学, ³ 大阪府立・感染因子防御)

IPA-081 HA 抗原を有するウイルス接種免疫マウスのインフルエンザウイルス感染防御効果

○田島 真理子¹, 高井 和幸², 高久 洋 (千葉工大・ハイテクリサーチセンター)

CERTIFICATE

March 21, Heisei 13-nen (2001)

To: Director-General of the Patent Office

The Molecular Biology Society of Japan
President : Mitsuhiro Yanagida
23rd Annual Meeting of the Molecular Biology Society of Japan
President: Akio Sugino

This is to certify that the attached text has been disclosed as in the following at 23rd Annual Meeting of the Molecular Biology Society of Japan.

Date of the presentation: December 16, 2000

Place of the presentation: Kobe International Exhibition Hall, Room PA

Subject number : 4PA-069

Subject : Protein domain screening system for structural genomics

Presenters : Eiko Seki, Takanori Kigawa, Natsuko Matsuda, Yoshihide Hayashizaki, Shigeyuki Yokoyama

23rd Annual Meeting of the Molecular Biology Society of Japan
Program and Abstract of presentations

Period: December 13, (Wednesday) to December 16 (Saturday) 2000

Places: Kobe International Exhibition Hall,
International Conference Center Kobe, and Kobe Portopia Hotel

Edit and Issue: November 25, 2000

23rd Annual Meeting of the Molecular Biology Society of Japan Secretariat

(Correspondence)

In Gakkai center Kansai
Senri Life Science Center Building 14th floor
1-4-2 Higashi-cho, Sinsenri Toyonaka 560-0082
TEL (06) 6873-2301 Fax (06) 6873-2300

The fourth day (Dec.16 (Saturday))

4PA-069 Protein domain screening system for structural genomics
Eiko Seki¹, Takanori Kigawa^{1,2}, Natsuko Matsuda¹, Yoshihide
Hayashizaki³, Shigeyuki Yokoyama^{1,2,4} (¹RIKEN, Protein G., GSC,
²Cell. Sig. Lab, ³Genome Expl. G., GSC, ⁴Grad. Sch. of Sci., Univ. of
Tokyo)

4PA-069

Protein domain screening system for structural genomics

Eiko Seki¹, Takanori Kigawa^{1,2}, Natsuko Matsuda¹, Yoshihide Hayashizaki³, Shigeyuki Yokoyama^{1,2,4} (¹RIKEN, Protein G., GSC, ²Cell. Sig. Lab, ³Genome Expl. G., GSC, ⁴Grad. Sch. of Sci., Univ. of Tokyo)

We are pursuing a research to study systematically the folds, basic units of protein three-dimensional structure. For this purpose, it is important to screen highly soluble and suitable protein domains for structural analyses, rapidly and experimentally. As a first step, a cDNA library was randomly fragmented, GFP-fusion proteins of the fragments were expressed in *E. coli*, and fluorescing clones were selected. Next, as the 2nd step, those selected clones were expressed in cell free system, and screened on the basis of the intensity of GFP fluorescence. Because PCR products can be used directly as templates for expression, it is easy to process many samples simultaneously, and further to add various expression tags. Therefore, by using cell free system, easy and rapid analysis of many clones are available. We verified this screening system with mouse growth factor receptor-binding protein 2 (Grb2). The GFP fluorescence in the 2nd step screening was correlated with the solubility of deleted fragments. Thus, by using this system, we could screen protein domains suitable for structural analyses efficiently, from several ten thousands of libraries of various proteins. We are now applying this system to several cDNAs and screening highly soluble protein domains.

**This Page is Inserted by IFW Indexing and Scanning
Operations and is not part of the Official Record**

BEST AVAILABLE IMAGES

Defective images within this document are accurate representations of the original documents submitted by the applicant.

Defects in the images include but are not limited to the items checked:

- ☐ **BLACK BORDERS**
- ☐ **IMAGE CUT OFF AT TOP, BOTTOM OR SIDES**
- ☒ **FADED TEXT OR DRAWING**
- ☐ **BLURRED OR ILLEGIBLE TEXT OR DRAWING**
- ☐ **SKEWED/SLANTED IMAGES**
- ☐ **COLOR OR BLACK AND WHITE PHOTOGRAPHS**
- ☐ **GRAY SCALE DOCUMENTS**
- ☐ **LINES OR MARKS ON ORIGINAL DOCUMENT**
- ☐ **REFERENCE(S) OR EXHIBIT(S) SUBMITTED ARE POOR QUALITY**
- ☐ **OTHER:** _____

IMAGES ARE BEST AVAILABLE COPY.

As rescanning these documents will not correct the image problems checked, please do not report these problems to the IFW Image Problem Mailbox.